

KARAKTERISASI MOLEKULER MELON  
(*Cucumis melo* L.) 'MELONI' dan 'HIKAPEL' BERDASARKAN *MULTIPLE*  
*MULTILOCUS* DNA BARCODES

DIAN SARTIKA  
17/421576/PBI/01504

INTISARI

Tanaman melon merupakan salah satu tanaman bernilai ekonomi tinggi dan memiliki ratusan jenis kultivar dan varietas di seluruh dunia. Kultivar dan Varietas melon mengandung variasi genotip dan fenotip yang sangat tinggi. Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Fakultas Biologi UGM menjadi salah satu sentra di Indonesia dalam pengembangan berbagai kultivar melon unggul, diantaranya adalah 'Meloni' dan 'Hikapel'. Pendataan kultivar baru perlu dilakukan untuk memperoleh legalitas yang sah. Karakterisasi molekuler dengan metode DNA *barcode* merupakan salah satu metode untuk pendataan tersebut. DNA *barcode* pada tanaman belum memiliki konsensus *barcode region* yang berlaku secara universal, sehingga lebih baik dilakukan penelitian dengan kombinasi beberapa *barcode region*. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakter molekuler dan hubungan kekerabatan melon 'Meloni' dan 'Hikapel' dengan melon pembandingnya yaitu 'Moonlight', 'Sunlady', 'Alisha', 'Kirani', 'Kinanti', dan 'Sonya' berdasarkan *multiple multilocus* DNA *barcode*, serta menganalisis keefektifan *multiple multilocus* DNA *barcode* sebagai metode karakterisasi molekuler pada tanaman melon. *Multilocus* DNA *barcode* yang akan digunakan terdiri dari ITS (*nuclear* DNA), *matK*, *rbcL*, dan *psbA-trnH* (*extranuclear* DNA). Data sekuens DNA yang diperoleh dibaca dan diedit dengan program GeneStudio v. 2.2, selanjutnya disejajarkan dan direkonstruksi pohon filogenetiknya dengan program MEGA 7.0.21, serta dianalisis variasinya dengan program DnaSP v.5. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa terdapat perbedaan karakter molekuler melon 'Meloni' dan 'Hikapel' dengan kultivar lainnya. Hal ini dibuktikan dengan data variasi nukleotida. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan bahwa melon 'Meloni' dan 'Hikapel' memiliki percabangan yang terpisah dengan melon pembanding. Hasil analisis juga menunjukkan bahwa lokus ITS, *rbcL2*, dan *rpl20* memiliki potensi paling tinggi, tetapi perlu dikombinasikan dengan lokus lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa penggunaan *multiple multilocus* DNA *barcodes* cukup efektif sebagai metode analisis molekuler tanaman melon pada tingkat intraspesies.

Kata kunci : karakter molekuler, 'Meloni', 'Hikapel', filogenetik, *multiple multilocus* DNA *barcodes*

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF 'MELONI' AND 'HIKAPEL'  
MELON (*Cucumis melo* L.) BASED ON MULTIPLE MULTILOCUS DNA  
BARCODES

DIAN SARTIKA  
17/421576/PBI/01504

ABSTRACT

Melon is particularly important in Mediterranean and East Asian countries, where hybrid varieties have a significant and growing economic value. Melon cultivars and varieties contain high variations of genotypes and phenotypes. The Laboratory of Genetics and Breeding Faculty of Biology UGM has become one of the centers in Indonesia in developing various superior melon cultivars, include 'Meloni' and 'Hikapel'. New cultivar data collection is needed to obtain the legality, including molecular characters like DNA barcode. However, DNA barcode in plants has not had universally molecular marker consensus, so that it was recommended to use a combination of multilocus barcode region. The objectives of this research were to investigate the molecular character and the relationship of melon 'Meloni' and 'Hikapel' to other cultivars : "Moonlight", 'Sunlady', 'Alisha', 'Kirani', Kinanti, and Sonya based on multiple multilocus DNA barcodes, and to analyze the effectiveness of multiple multilocus DNA barcodes as a molecular characterization method in melon. The multilocus DNA barcodes used in this research were ITS (nuclear DNA); *matK*, *rcbL1*, *psbA-trnH*, *rbcl2*, and *rpl20* (extranuclear DNA). The sequence data obtained was read and edited using GeneStudio v. 2.2. The multiple alignment and phylogenetic tree was constructed by the use of MEGA 7.0.21, while the sequence variation analysis was done by DnaSP v.5. The results of this study showed that there are differences in the molecular character of melon 'Meloni' and 'Hikapel' with other cultivars. This was shown by the presence of nucleotide variation data. The phylogenetic tree reconstruction results show that the 'Meloni' and 'Hikapel' have separate branches with comparative cultivar melons. The analysis also showed that the locus of ITS, *rbcl2*, and *rpl20* have the highest potential, but they need to be combined with others. This shows that the use of multiple multilocus DNA barcodes is an effective method of molecular analysis on melon plants at the level of intraspecies.

Keywords : molecular character, 'Meloni', 'Hikapel', phylogenetic, multiple multilocus DNA barcodes